



TITLE:

霊長類ヘモグロビンの一次構造の研究(Ⅲ 共同利用研究2.研究成果)

AUTHOR(S):

毎田, 徹夫

CITATION:

毎田, 徹夫. 霊長類ヘモグロビンの一次構造の研究(Ⅲ 共同利用研究2.研究成果). 霊長類研究所年報 1983, 12: 47-47

ISSUE DATE:

1983-01-19

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/163031>

RIGHT:

NO 研より分与された56例のアカゲザル同種免疫血清を用いた。リンパ球は予研に飼育されているカニクイザル75頭、TNO 研に飼育されているSD 抗原が既知であるアカゲザル38頭および京大霊長研のアカゲザル40頭を用いた。

カニクイザル血清を用いたカニクイザル、アカゲザルの比較では両者に類似した抗原が存在することを示唆する成績は得られなかった。

カニクイザルに対するアカゲザル血清とカニクイザル血清との比較では少数ながら類似する抗原の存在が示唆された。

現在より精細な比較を行いつつあるが両者のMHC はヒトとチンパンジーの比較の成績などから予想される以上に異っている可能性もあり、MHC の進化を考える上からも興味深い。

霊長類ヘモグロビンの一次構造の研究

毎田 徹夫 (長崎大・医)

ヘモグロビンの分子進化に興味をもち、主として霊長類と食虫類のヘモグロビンの一次構造分析を進めている。今回、共同利用研究でシロテナガザル、アジルテナガザル、ベニガオザル、アッサムモンキー、ボンネットモンキー、ノドジロオマキザル、ワタボシタマリン、シルバーマーモセット、オオガラゴについて構造分析を開始した。このうち、シロテナガザル、アジルテナガザル、ワタボシタマリン、シルバーマーモセットは一主成分ヘモグロビンのみをもち、それらの α および β 鎖の完全構造を決定した。

分析方法はまず α 鎖と β 鎖をCMセルロース・カラムを用いて分離し、それぞれのトリプシン・ペプチドを分離・精製し、さらにそれらのアミノ酸配列を主としてEdman 法により分析した。各トリプシン・ペプチドの α および β 鎖中での配列はヒトのものとの相同性より推定した。

分析した2種のテナガザルでは α 鎖も β 鎖も全く同じであり、ヒトのものと比較すると両鎖ともそれぞれ3個のアミノ酸変異が認められた。シルバーマーモセットでは α 鎖で4個、 β 鎖で5個、またワタボシタマリンでは α 鎖で4個、 β 鎖で6個のヒトとのアミノ酸変異が認められた。

オオガラゴの場合は採血した4頭の成獣はセルロゲル電気泳動上、個体差なく2主成分のヘモグ

ロビンが認められた。この2成分をCMセルロース・カラムを用いて分離し、そのサブユニット構成を検索したところ α 鎖は2成分に共通であり、 β 鎖が異なっていた。現在この α 鎖および2種類の β 鎖の構造を分析中である。また α 鎖の多型性が認められたマカク属の3種、アッサムモンキー、ボンネットモンキー、ベニガオザルについては、現在それらのサブユニット成分の分離を行っており、近く構造分析を始めるつもりでいる。

サル主要組織適合抗原系に関する研究

野口 淳夫, 後 藤 裕子
古川 敏紀, 藤 崎 正 美
(筑波大・基礎医学系)

目的: ニホンザル白血球抗原 (Japanese monkey leucocyte antigen; JMLA) を解析する目的は、1, RhLA (アカゲザル白血球抗原) に匹敵するHLA系 (ヒト白血球抗原系) のモデルを作る。2, 地理的気候的に多様な日本列島各地に適応し棲息する各群について、JMLAの遺伝子頻度からみた特徴を分析しMHC (Major histocompatibility gene complex) 遺伝子の多様性の生物学的意義を検討する。3, ヒトを含む霊長類のMHC各遺伝子座の遺伝子産物の系統発生的関係を考察する。4, 遺伝子レベルにおける精度の高い個体識別法を確立し、ニホンザルの社会学的、生態学的研究の進展に寄与する、等である。結果: 前年度および本年度に作製した91種の同種抗白血球血清 (ニホンザル65種、アカゲザル26種) と53頭の新血縁ニホンザルリンパ球の反応を細胞毒性テストによって検査した。これらの結果に基づき、2つの血清間の相関分析を χ^2 検定し、 $|r|$ 値 ≥ 0.4 の相関を示したものをまとめたところ、18のクラスターが出現した。更にこの preliminary cluster 18種を規定する抗血清のうち、46種を選び、原液から32倍まで倍々希釈した。これらの希釈血清と40頭の新血縁ニホンザルTリンパ球を反応させ、反応パターンの類似性を検討したところ、6種のグループを得、これらを仮にJMLA 1, 2, 4, 9, 14, 3.2と命名した。このうち1, 2, 4, 9は第1の遺伝子座にまた14, 3.2は第2の遺伝子座によって支配されるという仮説をMaximum likelihood methodsを用いて検定したところ成立することが